

УДК 575.857

О. Е. Черепанова, И. В. Петрова, С. Н. Санников

Ботанический сад УрО РАН,
620144, Россия, г. Екатеринбург, ул. 8 Марта, 202а,
botgarden.olga@gmail.com

ИЗУЧЕНИЕ АЛЛОЗИМНОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ПОПУЛЯЦИЙ *CALLUNA VULGARIS* (L.) HULL.

Ключевые слова: *C. vulgaris*, полиморфизм, аллозимная структура, популяция, изменчивость, микроэволюционная дивергенция.

Изучение внутривидовой генетической дивергенции (на примере аллозимной структуры) природных популяций растений в маргинальных и центральных частях их ареала является ключевой проблемой общей биологии. На основании результатов молекулярно-генетического анализа можно заключить нуждается ли вид в проведении охранных мероприятий, уточнить его систематическое положение, а также определить адаптивный потенциал. *Calluna vulgaris* (L.) Hull. – реликтовый вид, широко произрастающий в европейской части России, тогда как на юго-западе Западной Сибири представлен лишь длительно изолированной группой популяций. Продолжительная экогеографическая изоляция, вероятно, привела к микроэволюционной дифференциации маргинальных восточных популяций вереска [1, 4].

Нами была изучена аллозимная структура пяти популяций *C. vulgaris* по восьми аллельным маркерам (NAD, 6-PGI, ADH, GDH, GOT, IDH, SOD, PGI) [2].

Сравнительный анализ изменчивости аллозимной изменчивости *C. vulgaris* проведен между притобольской популяцией (Заводоуспенское) и четырьмя популяциями, расположенными в центральной части ареала (Англия, Соловецкие острова, Сыктывкар, Йошкар-Ола). Все популяции произрастают под пологом древостоев географически замещающих сосняков бруснично-вересково-зеленомошных. Методика сбора материала и последующего анализа подробно описана нами в ранее опубликованных работах [2, 6].

В результате анализа аллозимной структуры в сравниваемых популяциях *C. vulgaris* выявлены значительные генетические различия между популяцией вереска, произрастающем в Притоболье, где генетическая дистанция Нея (1978) в среднем составила 0.078 [5]. Согласно разработанной С.Н. Санниковым и И.В. Петровой шкале генетической подразделенности, данный уровень аллозимной дифференциации популяций соответствует уровню подвида [2]. Ранее нами уже была показана значительная дифференциация Зауральских популяций по данным анализов хп-ДНК для пяти полиморфным праймерных участков [6, 7].

Генетическая подразделенность между популяциями *C. vulgaris*, произрастающими в центральной части ареала, в два раза ниже (в среднем $DN_{78} = 0.036$) и не превышает ранга географической расы.

Значимые различия были выявлены и в результате изучения морфо-анатомической структуры вегетативных побегов *C. vulgaris*, произрастающего в отрыве от основной части ареала [3].

Результаты проведенных исследований генетической, морфологической, анатомической структуры популяций *C. vulgaris* подтверждают гипотезу о

микроэволюционной дивергенции Притобольских популяций на уровне самостоятельного подвида [3, 7, 8].

Работа выполнена в рамках государственного задания Ботанического сада УрО РАН.

Список литературы

1. Горчаковский П. Л. // Ботан. журнал. 1962. Т. 47(9). С. 1244–1257.
2. Санников С. Н., Петрова И. В. Дифференциация популяций сосны обыкновенной. Екатеринбург: УрО РАН, 2003. 247 с.
3. Cherepanova O. E., Petrova I. V., Sannikova N. S. // Forestry Ideas. 2018. Vol. 24(2). P. 163–170.
4. Gimmingham C. H. // J. Ecology. 1960. Vol. 48(2). P. 455–483.
5. Nei M. Molecular evolutionary genetics. N.Y.: Columbia University Press, 1987. 512 p.
6. Sannikov S. N., Petrova I. V., Cherepanova O. E., Dymshakova O. S. // Russian Journal of Genetics. 2014. Vol. 50(9). P. 925–933.
7. Sannikov S. N., Petrova I. V., Paule L. et al. // Russian Journal of Ecology. 2018. Vol. 49(4). P. 286–295.
8. Sannikov S. N., Petrova I. V., Paule L. et al. // Current Plant Biology. 2019. Vol. 18. P. 100–108.